



TITLE:

遺伝子情報を用いた海洋生態学研究

AUTHOR(S):

西村, 陽介

CITATION:

西村, 陽介. 遺伝子情報を用いた海洋生態学研究. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2020, 2019: 69-69

ISSUE DATE:

2020-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/251147>

RIGHT:

遺伝子情報を用いた海洋生態学研究
Research on marine ecology using genetic information

東京大学 大気海洋研究所 地球表層圏変動研究センター 生物遺伝子変動分野
西村 陽介

研究成果概要

昨年度に引き続き、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、海洋・湖沼等の微生物生態系の研究および、微生物ゲノム解析ツールの開発を行った。

優占する系統群の多くが未培養である海洋微生物の研究においては、培養を行わずにゲノム多様性や代謝戦略を解明できるメタゲノミクスに期待が集まっている。公開された海洋メタゲノムデータを網羅的に利用して、1,644 メタゲノム(配列量約 25 Tbp)から約 4 万個の高品質な原核生物ゲノムを再構築した。これらのゲノムは海洋微生物生態系を理解する上で重要なリファレンスとなると期待される。また、これらのメタゲノム由来のデータに含まれる機能未知遺伝子の中から、光受容体等の有用な微生物遺伝子資源の探索を行い、遺伝子異種発現系などの実験的手法を組み合わせ、機能を同定する解析を行っている[論文 3]。

また、湖沼のウイルスに関して、以前作成した ViPTree 等のウイルスゲノム解析ソフトウェアを利用してメタゲノム解析を行い、ウイルスの多様性や季節的変動を明らかにした[論文 1, 2]。

発表論文(謝辞あり)

1. Yusuke Okazaki, Yosuke Nishimura, Takashi Yoshida, Hiroyuki Ogata, Shin-ichi Nakano. 2019. 'Genome-resolved viral and cellular metagenomes revealed potential key virus-host interactions in a deep freshwater lake.' *Environmental Microbiology* 21(12):4740-4754.

発表論文(謝辞なし)

2. Daichi Morimoto, Kento Tominaga, Yosuke Nishimura, Naohiro Yoshida, Shigeko Kimura, Yoshihiko Sako, and Takashi Yoshida. 2019. 'Co-Occurrence of Broad and Narrow Host-Range Viruses Infecting the Toxic Bloom-Forming Cyanobacterium *Microcystis Aeruginosa*.' *Applied and Environmental Microbiology* 85(18):e01170-19
3. Atsushi Shibukawa, Keiichi Kojima, Yu Nakajima, Yosuke Nishimura, Susumu Yoshizawa, and Yuki Sudo. 2019. 'Photochemical Characterization of a New Heliorhodopsin from the Gram-Negative Eubacterium *Bellilinea Caldifistulae* (BcHeR) and Comparison with Heliorhodopsin-48C12.' *Biochemistry* 58(26):2961-2952.